马属动物碳水化合物消化在维系盲肠微生物区系稳定与宿主机体健康中的作用

刘利林[1,2]　白萨茹拉[1]　杨红建[1*]　刘桂芹[3]　江春雨[2]　王沛勇[4]

（1.中国农业大学动物科学技术学院，动物营养学国家重点实验室，北京 100193；2.塔里木大学动物科学学院，新疆生产建设兵团塔里木畜牧科技重点实验室，阿拉尔 843300；3.聊城大学生物制药研究院，聊城 252000；4.新疆生产建设兵团农一师幸福农场畜牧公司，阿拉尔 843300）

摘　要：马属动物的盲肠内栖息着复杂多样的微生物，对饲粮碳水化合物的消化及机体健康起着重要作用，是马属动物盲肠功能的基础；同时，饲粮碳水化合物也对盲肠微生物产生影响，探索饲粮碳水化合物在盲肠内的消化代谢和对盲肠微生物区系的影响及规律，对饲料生产、动物饲养和动物生产性能的提高有积极的指导意义。本文总结了盲肠微生物的特点、盲肠微生物在马属动物碳水化合物消化生理中的地位和作用，以及马属动物盲肠碳水化合物的消化生理，并着重就饲粮碳水化合物对马属动物盲肠微生物区系的影响及规律，以及马属动物盲肠碳水化合物消化相关的营养代谢病的研究现状和进展进行了分析阐述。

关键词：马属动物；盲肠；微生物；碳水化合物；消化生理

中图分类号：S821　　文献标识码：A　　文章编号：

马属动物主要包括马、驴和骡子等，均是我国的古老畜种。中国作为世界养马大国，不仅马的品种资源丰富且以约 900 万匹的存栏总数而居世界之首[1]。此外，我国也是世界上驴养殖数量最多和品种资源最丰富的国家之一，截至 2013 年底，我国驴存栏数量约为 600 万头[2]。盲肠是马属动物营养物质消化的重要器官，也是饲粮纤维发生微生物消化作用的主要场所。饲粮中无法在胃和小肠中被消化吸收的碳水化合物（如纤维素和淀粉）对盲肠微生物区系和盲肠环境的稳定起着决定性作用，并最终影响到饲料利用率、营养代谢和动物的生产性能等。长期以来，我国在动物科学领域马属动物相关的研究价值通常被忽视，导致人们对其饲料、营养、消化和代谢的认识比较有限。本文重点围绕马属动物盲肠微生物与碳水化合物消化的关系综述了国际上相关领域的最新研究进展，以期为我国研究人员开展相关研究提供研究思路以及方法技术启示。

收稿日期：2017-03-21

基金项目：国家自然科学基金项目（31260554）

作者简介：刘利林(1977-)，男，新疆阿拉尔人，副教授，博士研究生，主要从事动物营养与饲料科学的教学和科研工作。E-mail: lll.net@163.com

*通信作者：杨红建，教授，博士生导师，E-mail: yang_hongjian@sina.com

1 马属动物盲肠对碳水化合物的消化

马属动物是典型的单胃草食动物，属于后肠发酵类型，消化道的前段类似于典型的单胃动物，消化道的后段包括盲肠和结肠，体积很大且栖息着数量巨大、种类繁多的微生物，类似于反刍动物的瘤胃，对饲粮碳水化合物具有重要的微生物消化代谢作用。马属动物所需能量来源主要包括葡萄糖和挥发性脂肪酸，葡萄糖由小肠中的淀粉分解而来，而挥发性脂肪酸由盲肠中纤维被微生物发酵降解而成，马机体所需的大部分(60%~70%)能量都由盲肠和结肠吸收的挥发性脂肪酸提供[3]。

1.1 盲肠对淀粉和纤维的消化

Arnold 等[4]发现玉米、燕麦、大麦和高粱等谷物淀粉在马盲肠的消化率可以达到（91.1±6.8）%，在消化道前段没有被消化的淀粉到达后肠后被马后肠道的牛链球菌（*Streptococcus bovis*）和乳酸杆菌（*Lactobacillus sp*）等产乳酸菌转化为乳酸[5]，乳酸继续被韦荣氏球菌属（*Veillonella* spp.）等乳酸利用菌转化为丙酸[6]，丙酸被盲肠壁吸收后为机体提供能量。马在饲喂牧草或青贮饲料时大部分纤维在盲肠和结肠中被消化，Miyaji 等[7]研究发现盲肠消化的纤维占整个消化道纤维消化量的 90%左右，并且盲肠中羧甲基纤维素酶和木聚糖酶的活性较强。Glinsky 等[8]研究发现，马后肠道中的微生物水解羊茅草中的纤维素和半纤维素等植物纤维释放出可溶性糖，随后这些可溶性糖被发酵成乙酸、丙酸和丁酸（乙酸：丙酸：丁酸=7：2：1）等挥发性脂肪酸，挥发性脂肪酸透过盲肠壁被吸收后可以提供 30%的可消化能，尤其在马饲喂高纤维饲粮的情况下纤维发酵产生的挥发性脂肪酸是马的主要能量来源。

纤维在马属动物的盲肠和在反刍动物的瘤胃中被微生物发酵降解的机制颇为相似，但利用效率却存在差异。Hintz 等[9]研究发现，以后肠发酵方式的单胃草食动物对植物细胞壁成分的利用效率仅相当于反刍动物利用效率的 2/3。但 Izraely 等[10]发现驴对干草能量的消化和反刍动物相当。

1.2 盲肠碳水化合物消化的影响因素

盲肠的主要功能是对饲粮纤维进行消化，其主要受到采食量、饲粮组成和饲养管理的影响，采食量和饲粮组成首先影响到达盲肠的可发酵底物的量和组成，同时也影响食糜在消化道的滞留时间，这些因素最终都影响纤维在盲肠的消化率。Miyaji 等[11]发现梯牧草干草在马盲肠中的平均滞留时间为 2.9 h。马在饲喂青贮饲料时液相食糜和固相食糜的全消化道平均滞留时间均比饲喂干草的短(16.9 h vs. 21.1 h; 21.8 h vs. 23.7 h)[12]。此外，当饲粮中小颗粒比例较高时平均滞留时间会延长[13]。大量试验证明，随着平均滞留时间的延长，养分消化率、微生物活性和从消化道吸收水的量均增加[14]。

盲肠的解剖结构非常特殊，呈囊状且里面有丰富的液体。当采食量增加时，盲肠处于较好的充盈状态，此时来自回肠的食糜就被阻止进入盲肠而直接到达结肠。马的干物质采食量一般为自身体重的 2%左右[15]，高采食量降低纤维全消化道消化率和平均滞留时间，说明纤维全消化道消化率和

平均滞留时间之间有直接关系[7]。另外，饲粮结构多糖和淀粉多糖的比例也影响盲肠消化功能，马饲粮中淀粉的比例如果太高，当淀粉的摄入量超过 3.5g/kg BW 时就会降低盲肠 pH，从而降低盲肠多糖酶的活性，进而降低纤维的消化率[16]。

2 马属动物盲肠微生物

纤维发酵在马属动物的消化中起着关键作用，如维持盲肠内环境的稳定、为机体提供能量等，这些功能的实现都依赖于盲肠微生物的存在，故盲肠微生物是马属动物盲肠功能的基础。微生物把纤维降解和发酵成可吸收营养物质是马属动物肠道生态系统的主要功能[17]。尽管盲肠发酵和瘤胃发酵在微生物消化、分泌和吸收方面非常相似，但有关马属动物盲肠发酵的研究很不充分，后肠微生物种群多样性的研究非常缺乏。

2.1 微生物组成

和反刍动物的瘤胃，人和猪的盲肠、结肠[18]相比，人们对驴盲肠微生物种群的认识是非常有限的，目前有关驴盲肠微生物的研究只有零星报道，相比而言，马盲肠微生物的研究则较为深入。马盲肠的 pH 接近中性，并且流通速度较慢，这为微生物提供了有利的生存环境[19]。马盲肠中微生物区系由细菌、真菌和原虫组成[20]，但已有的研究大部分都集中在盲肠细菌方面。据 Santos 等[21]估计，马盲肠中 30%～80%的微生物都是严格厌氧的，盲肠中总厌氧菌数量在 1.85×10^{7}～2.65×10^{9} CFU/mL 之间。马盲肠中真菌孢子的数量在 10^{1}～10^{4} CFU/mL 之间[22]，原虫的数量在 10^{3}～10^{5} 个/mL 之间[23]。

2.1.1 细菌

盲肠中的细菌主要是厌氧细菌，数量超过动物自身细胞数量，对营养和机体健康有重要影响[24]。Bonhomme[25]采用形态学法鉴定了矮马肠道中 3 个主要的纤维分解菌，分别是纤维杆菌属、瘤胃球菌属和白色瘤胃球菌。Milinovich 等[26]在马的盲肠中发现了链球菌（*Streptococci*）、酵母菌（*Saccharomyces cerevisiae*）的存在。Jouany 等[27]在马的盲肠中发现了乳酸杆菌（*Lactobacilli*），以及生黄瘤胃球菌(*Ruminococcus flavefaciens*)和产琥珀酸丝状杆菌（*Fibrobacter succinogenes*)2 种纤维分解菌。

用传统的微生物培养法只能获得肠道环境中微生物的部分信息和分离得到很少一部分的微生物，估计仅有 10%~20%[28]，而且得到的微生物大多集中在某些常见属种，不能全面客观地认识肠道中微生物群落。现代微生物技术的出现为从盲肠微生物角度分析盲肠消化机理开辟了一条新的有效途径。用核酸序列分析、基因型指纹图谱分析等分子方法能克服微生物培养法带来的缺点。核糖体 RNA(rRNA)小亚基被普遍认为是一个非常合适的分子钟，并且是目前用来阐述微生物间系统发育关系的最常用方法。近年来，随着分子生物学技术的不断发展，出现了许多能够鉴定不可培养微生物的新技术，这些新技术包括 16S rDNA 克隆文库测序法、基因型指纹图谱分析等。实时定量 PCR 法

对单个菌种或者总菌数可以精确、灵敏地定量[29]。Hastie 等[30]采用实时定量 PCR 技术发现马盲肠内容物中生黄瘤胃球菌的数量最多，其次为产琥珀酸丝状杆菌，牛链球菌（*Streptococcus bovis*）的数量最少。Julliand 等[17]利用寡核苷酸探针检测了驴和矮马盲肠中的纤维分解菌，发现生黄色瘤胃球菌是优势菌种。Daly 等[31]采用免培养法分析了采食牧草的马盲肠微生物多样性，发现盲肠微生物主要属于革兰氏阳性厌氧菌，主要是属于拟杆菌门（Bacteroidetes）和硬壁菌门（Firmicutes）的毛螺菌科（Lachnospiraceae），其次是纤维杆菌属（*Fibrobacter*），瘤胃球菌科（*Ruminococcaceae*）和硬壁菌门（*Firmicutes*）的芽孢杆菌属（*Bacillus*）、乳杆菌属（*Lactobacillus*）、链球菌属（*Streptococcus*）。

2.1.2 原虫

Kornilova 等[32]调查了雅库特马肠道中的纤毛虫，发现了 57 种纤毛虫，平均每匹马体内存在的纤毛虫种类有 17~43 种。Julliand 等[17]研究了 15 个土耳其马粪样中大肠纤毛虫的种群结构和分布，鉴定了 22 个属的 36 种纤毛虫，纤毛虫的平均数量是（4.2±13.9）×10^4 个/mL，平均每个宿主有纤毛虫种(9.9±7.1)个。大量的研究已经测定出了瘤胃中原虫对消化的贡献，而对原虫在马后肠道消化中作用的研究鲜有报道。Moore 等[23]和 Gürelli 等[33]也在马的盲肠和结肠中发现了纤毛虫，并指出原虫似乎对纤维的消化不重要。

2.2 饲粮碳水化合物对盲肠微生物的影响

马后消化道发酵活动的效率依靠有效的底物，并且会受到采食量、饲粮组成和盲肠以前对饲粮的消化等因素影响[34]。

2.2.1 饲粮碳水化合物比例

据 Medina 等[5]报道，马肠道微生物区系组成和微生物活性受饲粮纤维和淀粉比例的影响，为了维持肠道微生物区系的正常和保证后肠道健康，必须用等量的纤维平衡饲粮中的淀粉，即饲粮中性洗涤纤维（NDF）/淀粉=1。研究显示，饲粮组成发生变化会引起马盲肠微生物区系发生变化，Goodson 等[35]测定了由全粗饲料向全精饲料的转变过程中马盲肠微生物数量的变化，发现微生物数量变化与这种突然的饲粮转变有关，当马的饲粮中淀粉含量超过体重的 0.4%时，一些淀粉会逃避小肠的水解而到达盲肠，在盲肠发酵产生乳酸和二氧化碳[36]，乳酸会极大地降低盲肠 pH，抑制纤维分解菌的活性，破坏正常的盲肠微生物区系。相反，饲粮中有足够的纤维可以维持盲肠中纤维分解菌的活性，和高淀粉饲粮相比高纤维饲粮的纤维消化率较高[37]。

2.2.2 碳水化合物类型

一般情况下，大部分非结构性碳水化合物可能不能够到达后肠道，或者只有极少一部分可以到达；相反，结构性碳水化合物在盲肠前消化率很低而到达后肠道继续水解。比如，增加饲粮中谷物类精料的比例使饲粮中淀粉的含量超过 2g/kg BW[27]，可导致盲肠 pH 降至 6.1[38]，对微生物的活性

和纤维消化也产生了负面影响。盲肠微生物的繁殖和对粗纤维的消化依赖可利用的能量[39]，碳水化合物类型和摄食水平的不同，其在消化道内的滞留时间有所不同，进而影响后肠微生物组成[40]。淀粉在后肠发酵能导致微生物区系和活性的变化，这种变化是非常不利的，其影响在于或者降低饲粮消化利用率，或者严重损害动物健康。饲粮碳水化合物引起微生物种群发生变化也许和马属动物盲肠中的微生物种群之间竞争底物有关，到目前为止还没有相关研究报道。

2.2.3 酵母添加剂与抗生素

除了常规的饲料和营养物质会引起盲肠微生物的改变，一些添加剂如活酵母、葡萄籽提取物和抗生素等也会影响盲肠微生物的改变。Glade 等[41]发现在马饲粮中添加活酵母（10 g/d）可使马盲肠厌氧菌的数量增加，优化了盲肠发酵模式。研究发现，酵母促进乳酸利用菌的生长和纤维的消化，同时酵母有增加乳酸利用菌数量的趋势[42]；一些抗生素如维吉霉素经常被用来处理马因为碳水化合物导致的蹄叶炎，维吉霉素可以阻止链球菌的异常生长，降低盲肠乳酸的产生，并维持盲肠 pH 高于 6.5[43]。

3 碳水化合物在盲肠的消化与机体健康

饲粮对盲肠微生物产生影响的同时，微生物也对宿主动物产生有益或有害的作用。纤维型基础饲粮维持盲肠内正常的发酵条件，相反，饲粮精饲料水平过高会破坏盲肠内环境，导致酸中毒和蹄叶炎等代谢性疾病的发生[30]。在消化道前段没有被消化的淀粉到达盲肠，导致盲肠微生物区系发生变化和产生一些代谢产物，最终导致马的消化道疾病。

肠道疾病如肠痉挛是一种对马的健康有重要影响的内科疾病，常常导致死亡。造成肠痉挛的直接原因是肠道消化吸收功能紊乱导致肠道臌胀和痉挛，马最终表现出剧烈的腹痛[44]。蹄叶炎是另外一种和盲肠消化相关的营养代谢病，大量的研究证实蹄叶炎等疾病与后肠微生物区系相关[45]。Milinovich 等[46]采用 16S rRNA 序列分析法鉴定了蹄叶炎马后肠中存在链球菌，同时还发现当大量可发酵淀粉到达马的后肠道时，和碳水化合物诱导的蹄叶炎有关的革兰氏阳性链球菌就会大量繁殖。马饲粮中的纤维对维持后肠环境的稳定性有重要作用，可以避免酸中毒的发生。和饲喂粗饲料的马相比，饲喂精饲料的马在饲喂后 6 h 盲肠 pH 显著下降达 4~5，除此之外，盲肠乙酸与丙酸比由饲喂干草期间的 5.0 下降到饲喂精饲料期间的 2.6[47]，抑制了后肠纤维分解菌群的活性，增加了马对肠痉挛和蹄叶炎的易感性。

4 小　结

马属动物盲肠碳水化合物消化生理的研究远不及反刍动物瘤胃那样系统深入，人们对马属动物盲肠微生物的认识非常有限。此外，本文中所引用的文献主要是关于马的，而有关驴的文献十分缺乏，驴作为典型的马属动物在盲肠微生物与碳水化合物消化方面是否与马具有相同的特点，或者有

不同于马的独特之处，毕竟这 2 种动物存在物种差异和生存环境的差异。这些均需要进一步研究探索。

参考文献：

[1] 刘新春,时晓寒,文武.我国马业发展现状与展望[J].中国牧业通讯,2008(9):18–19.

[2] 张莉,杜立新.对我国驴产业发展的思考与建议[J].草食家畜,2015(5):1–5.

[3] BERGMAN E N.Energy contributions of volatile fatty acids from the gastrointestinal tract in various species[J].Physiological Reviews,1990,70(2):567–90.

[4] ARNOLD F F.Prececal,postileal and total tract starch digestion in ponies fed corn,oats,barley or sorghum grain[D].Ph.D.Thesis.Texas:Texas A&M University,1982.

[5] MEDINA B,GIRARD I D,JACOTOT E,et al.Effect of a preparation of *Saccharomyces cerevisiae* on microbial profiles and fermentation patterns in the large intestine of horses fed a high fiber or a high starch diet[J].Journal of Animal Science,2002,80(10):2600–2609.

[6] HARLOW B E,LAWRENCE L M,FLYTHE M D.Diarrhea-associated pathogens,lactobacilli and cellulolytic bacteria in equine feces:responses to antibiotic challenge[J].Veterinary Microbiology,2013,166(1/2):225–232.

[7] MIYAJI M,UEDA K,HATA H,et al.Effect of grass hay intake on fiber digestion and digesta retention time in the hindgut of horses[J].Journal of Animal Science,2014,92(4):1574–1581.

[8] GLINSKY M J,SMITH R M,SPIRES H R,et al.Measurement of volatile fatty acid production rates in the cecum of the pony[J].Journal of Animal Science,1976,42(6):1465–1470.

[9] HINTZ H F,SCHRYVER H F,STEVENS C E.Digestion and absorption in the hindgut of nonruminant herbivores[J].Journal of Animal Science,1978,46(6):1803–1807.

[10] IZRAELY H,CHOSHNIAK I,SHKOLNIK A,et al.Factors determining the digestive efficiency of the domesticated donkey (*Equus asinus asinus*)[J].Quarterly Journal of Experimental Physiology,1989,74(1):1–6.

[11] MIYAJI M,UEDA K,NAKATSUJI H,et al.Mean retention time of digesta in the different segments of the equine hindgut[J].Animal Science Journal,2008,79(1):89–96.

[12] MIYAJI M,UEDA K,YAMADA F,et al.Chewing Activity,particle size distribution of feces and total tract mean retention time of Digesta in horses fed timothy hay or silage[J].Nihon Chikusan Gakkaiho,2004,75(4):567–572.

[13] MIYAJI M,UEDA K,HATA H,et al.Effects of quality and physical form of hay on mean retention time of digesta and total tract digestibility in horses[J].Animal Feed Science and Technology,2011,165(1/2):61–67.

[14] WARNER A C I.Rate of passage of digesta through the gut of mammals and birds[J].Nutrition Abstracts and Reviews,1981,51(12):789–820.

[15] DAVIES J A,KREBS G L,BARNES A,et al.Feeding grape seed extract to horses:effects on health,intake and digestion[J].Animal,2009,3(3):380–384.

[16] POTTER G D,ARNOLD F F,HOUSEHOLDER D D,et al.Digestion of starch in the small or large intestine of the equine[J].Pferdeheilkunde,1992,1:107–111.

[17] JULLIAND V,DE VAUX A,MILLET L,et al.Identification of *Ruminococcus flavefaciens* as the predominant cellulolytic bacterial species of the equine cecum[J].Applied and Environmental Microbiology,1999,65(8):3738–3741.

[18] WILSON K H,BLITCHINGTON R B.Human colonic biota studied by ribosomal DNA sequence analysis[J].Applied and Environmental Microbiology,1996,62(7):2273–2278.

[19] VÖRÖS A.Diet related changes in the gastrointestinal microbiota of horses[D].Master Thesis,Uppsala:Swedish University of Agricultural Sciences,2008.

[20] KOBAYASHI Y,KOIKE S,MIYAJI M,et al.Hindgut microbes,fermentation and their seasonal variations in Hokkaido native horses compared to light horses[J].Ecological Research,2006,21(2):285–291.

[21] SANTOS A S,RODRIGUES M A,BESSA R J,et al.Understanding the equine cecum-colon ecosystem:current knowledge and future perspectives[J].Animal,2011,5(1):48–56.

[22] JULLIAND V.Impact of nutrition on the microflora of the gastro-intestinal tract in horses[M]//LINDNER A.Applied equine nutrition.Wageningen:Wageningen Academic Publishers,2005.

[23] MOORE B E,DEHORITY B A.Effects of diet and hindgut defaunation on diet digestibility and microbialconcentrations in the cecum and colon of the horse[J].Journal of Animal Science,1993,71(12):3350–3358.

[24] ZOETENDAL E G,COLLIER C T,KOIKE S,et al.Molecular ecological analysis of the gastrointestinal microbiota:a review[J].The Journal of Nutrition,2004,134(2):465–472.

[25] BONHOMME A.Attachment of horse cecal bacteria to forage cell walls[J].The Japanese Journal of Veterinary Science,1986,48(2):313–322.

[26] MILINOVICH G J,BURRELL P C,POLLITT C C,et al.Streptococcus henryi sp.nov.and *Streptococcus caballi* sp.nov.,isolated from the hindgut of horses with oligofructose-induced laminitis[J].International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology,2008,58(1):262–266.

[27] JOUANY J P,MEDINA B,BERTIN G,et al.Effect of live yeast culture supplementation on hindgut microbial communities and their polysaccharidase and glycoside hydrolase activities in horses fed a high-fiber or high-starch diet[J].Journal of Animal Science,2009,87(9):2844–2852.

[28] VAUGHAN E E,SCHUT F,HEILIG H G,et al.A molecular view of the intestinal

ecosystem[J].Current Issues in Intestinal Microbiology,2000,1(1):1–12.
[29] NADKARNI M A,MARTIN F E,JACQUES N A,et al.Determination of bacterial load by real-time PCR using a broad-range (universal) probe and primers set[J].Microbiology,2002,148(1):257–266.
[30] HASTIE P M,MITCHELL K,MURRAY J A.Semi-quantitative analysis of *Ruminococcus flavefaciens*,*Fibrobacter succinogenes* and *Streptococcus bovis* in the equine large intestine using real-time polymerase chain reaction[J].British Journal of Nutrition,2008,100(3):561–568.
[31] DALY K,PROUDMAN C J,DUNCAN S H,et al.Alterations in microbiota and fermentation products in equine large intestine in response to dietary variation and intestinal disease[J].British Journal of Nutrition,2012,107(7):989–995.
[32] KORNILOVA O A.Ciliates from the intestine of Yakut horse (*Equus caballus*)[J].Parazitologiia,2006,40(5):472–478.
[33] GÜRELLI G,GÖÇMEN B.Intestinal ciliate composition found in the feces of the Cypriot wild donkey,*Equus asinus* Linnaeus,1758[J].European Journal of Protistology,2010,46(1):38–42.
[34] SANTOS A S,FERREIRA L M,MARTIN-ROSSET W,et al.The influence of casein and urea as nitrogen sources on *in vitro* equine caecal fermentation[J].Animal,2012,6(7):1096–1102.
[35] GOODSON J,TYZNIK W J,CLINE J H,et al.Effects of an abrupt diet change from hay to concentrate on microbial numbers and physical environment in the cecum of the pony[J].Applied and Environmental Microbiology,1988,54(8):1946–1950.
[36] DYER J,AL-RAMMAHI M,WATERFALL L,et al.Adaptive response of equine intestinal Na+/glucose co-transporter (SGLT1) to an increase in dietary soluble carbohydrate[J].Pflügers Archiv-European Journal of Physiology,2009,458(2):419–430.
[37] JOUANY J P,GOBERT J,MEDINA B,et al.Effect of live yeast culture supplementation on apparent digestibility and rate of passage in horses fed a high-fiber or high-starch diet[J].Journal of Animal Science,2008,86(2):339–347.
[38] JULLIAND V,DE FOMBELLE A,VARLOUD M.Starch digestion in horses:the impact of feed processing[J].Livestock Science,2006,100(1):44–52.
[39] SANTOS A S,FERREIRA L M M,MARTIN-ROSSET W,et al.Effect of nitrogen sources on *in vitro* fermentation profiles and microbial yield using equine caecal contents[J].Animal Feed Science and Technology,2013,182(1/2/3/4):93–99.
[40] DROGOUL C,PONCET C,TISSERAND J L.Feeding ground and pelleted hay rather than chopped hay to ponies:1.Consequences for *in vivo* digestibility and rate of passage of digesta[J].Animal Feed Science and Technology,2000,87(1/2):117–130.
[41] GLADE M J,KANWAR Y S,HEFLEY T J.Enzymatic isolation of chondrocytes from immature rabbit articular cartilage and maintenance of phenotypic expression in culture[J].Journal of Bone

and Mineral Research,1991,6(3):217–226.

[42] CALLAWAY T R,MARTIN S A.Effects of cellobiose and monensin on *in vitro* fermentation of organic acids by mixed ruminal bacteria[J].Journal of Dairy Science,1997,80(6):1126–1135.

[43] ROWE J B,LEES M J,PETHICK D W.Prevention of acidosis and laminitis associated with grain feeding in horses[J].The Journal of Nutrition,1994,124(12S):2742S–2744S.

[44] HESS B.Medical management of acute renal colic-there is more than hydration and Buscopan®...[J].Praxis,2011,100(5):293–297.

[45] CRAWFORD C,SEPULVEDA M F,ELLIOTT J,et al.Dietary fructan carbohydrate increases amine production in the equine large intestine:implications for pasture-associated laminitis[J].Journal of Animal Science,2007,85(11):2949–2958.

[46] MILINOVICH G J,TROTT D J,BURRELL P C,et al.Changes in equine hindgut bacterial populations during oligofructose-induced laminitis[J].Environmental Microbiology,2006,8(5):885–898.

[47] WILLARD J G,WILLARD J C,WOLFRAM S A,et al.Effect of diet on cecal pH and feeding behavior of horses[J].Journal of Animal Science,1977,45(1):87–93.

Roles of Equine Carbohydrate Digestion in the Maintenance of Cecal Microbial Stability and Host Health

LIU Lilin[1,2] BAI Sarula[1] YANG Hongjian[1*] LIU Guiqing[3] JIANG Chunyu[2] WANG Peiyong[4]

（1. *State Key Laboratory of Animal Nutrition*, *College of Animal Science and Technology*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100193, *China*; 2. *Key Laboratory of Tarim Animal Husbandry Science and Technology, Xinjiang Production and Construction Group*, *College of Animal Science*, *Tarim University*, *Alar* 843300, *China*; 3. *Institute of Bio-Pharmaceutical Research*，*Liaocheng University*, *Liaocheng* 252000, *China*; 4. *Happy Farm Animal Husbandry Company*, *Xinjiang Production and Construction Corp Agricultural First Division*, *Alar* 843300, *China*）

Abstract: Complex and diverse microorganisms, that inhabit in the cecum of equine play an important role in the digestion of carbohydrate and the health of the body and it is the basis of the cecum function of equine animals. At the same time, the dietary carbohydrate could also affect the cecal microorganisms. It has positive guiding significance on the feed production, animal feeding and the improvement of animal production performance to explore the the digestion and metabolism of dietary carbohydrate in the cecum, its impact on cecal microorganisms and the rule. This paper summarized the characteristics of cecal

*Corresponding author, professor, E-mail: yang_hongjian@sina.com (责任编辑 菅景颖)

microorganisms, their significances and functions in the carbohydrate digestive physiology of equine, as well as the carbohydrate digestive physiology in the cecum of equine. The effects and rule of dietary carbohydrate composition on the cecal microflora, as well as the current research status and development of nutritional and metabolic diseases related to the carbohydrate digestion in the cecum of equine were analyzed and investigated with great emphasis.

Key words: equine; cecum; microorganism; carbohydrates; physiology of digestion